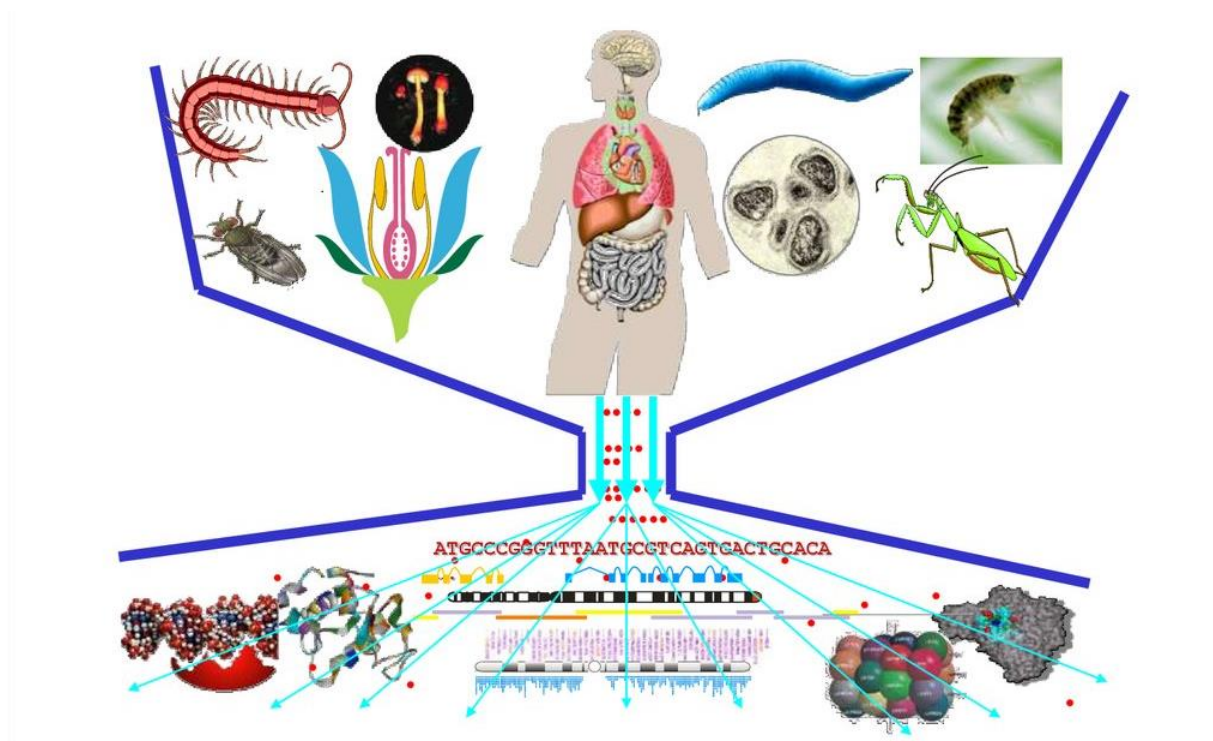


Лекция 1. ВВЕДЕНИЕ В ПРЕДМЕТ

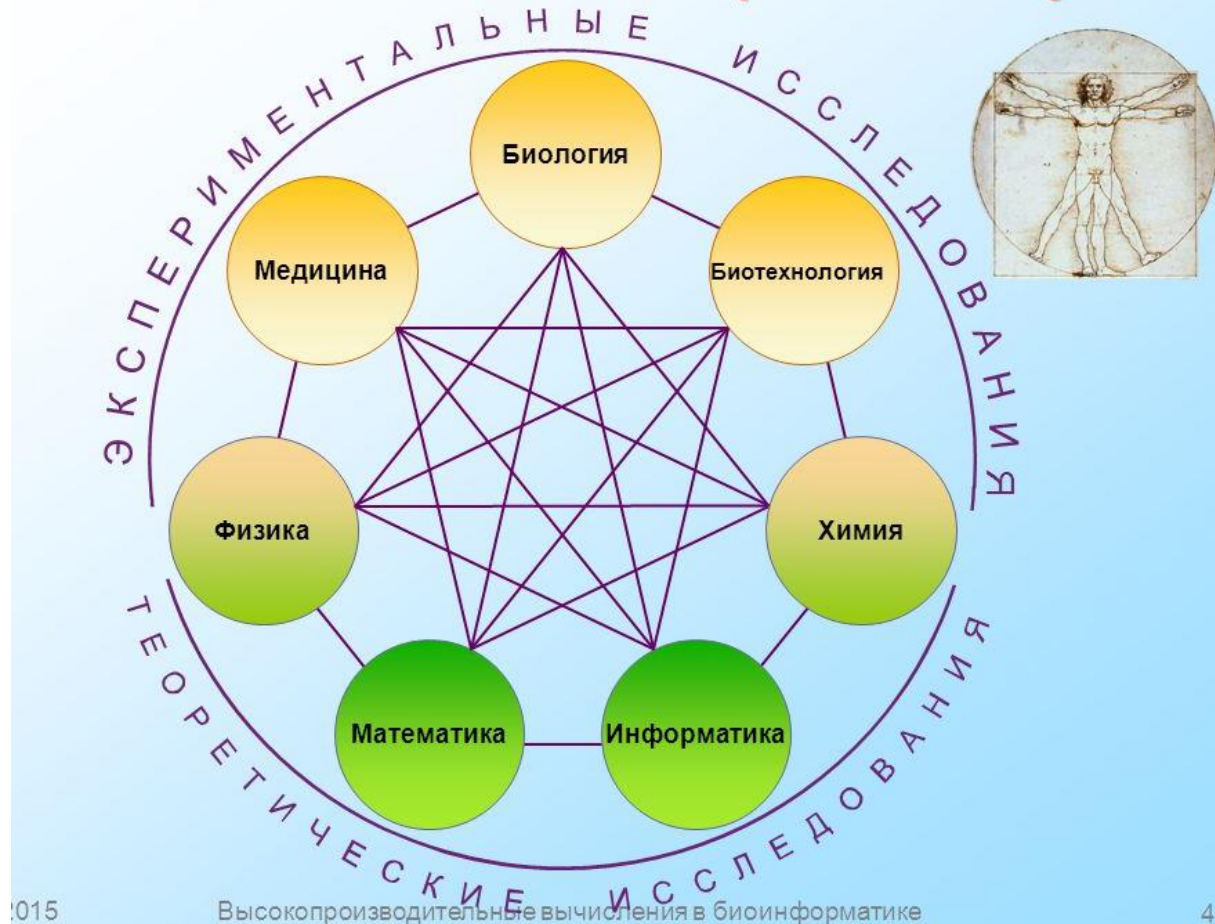
1. Понятие о системной биологии
2. История становления системной биологии
3. Методы системной биологии
4. Связь системной биологии и математики



1. Понятие о системной биологии

Системная биология – это междисциплинарное научное направление, образовавшееся на стыке биологии и теории сложных систем, ориентированное на изучение сложных взаимодействий в живых системах.

Системная биология – интегративная наука



Впервые термин стал использоваться в статье «The pharmacology of pain signalling» 1993 года

National Center for Biotechnology Information

PubMed®

Advanced [Search](#) [User Guide](#)

[Save](#) [Email](#) [Send to](#) [Display options](#) ⚙️

[Review](#) > [Curr Opin Neurobiol](#) 1993 Aug;3(4):611-8. doi: 10.1016/0959-4388(93)90063-5.
Current opinion in neurobiology

The pharmacology of pain signalling

W Zieglgänsberger¹, T R Tölle

Affiliations [+ expand](#)

PMID: 8219729 DOI: 10.1016/0959-4388(93)90063-5

Abstract

Recent advances in pain research illustrate the analytical power of modern neurosciences in a field previously accessible only to methods of systems biology. Novel molecular and cellular biological techniques have changed the face of pain research by detailing the multiplicity of pain transducing and pain suppressive systems which involve neuronal and hormonal systems acting in concert to help the individual to cope with pain. The introduction of concepts of neuronal plasticity in this field has led to important therapeutical consequences. Novel compounds and new regimens for drug treatment to prevent activity-dependent long-term changes or to facilitate extinction in pain-related systems are emerging.

ACTIONS

“ Cite

🔖 Collections

SHARE

🐦 f 🔗

PAGE NAVIGATION

< Title & authors

Abstract

Similar articles

Cited by



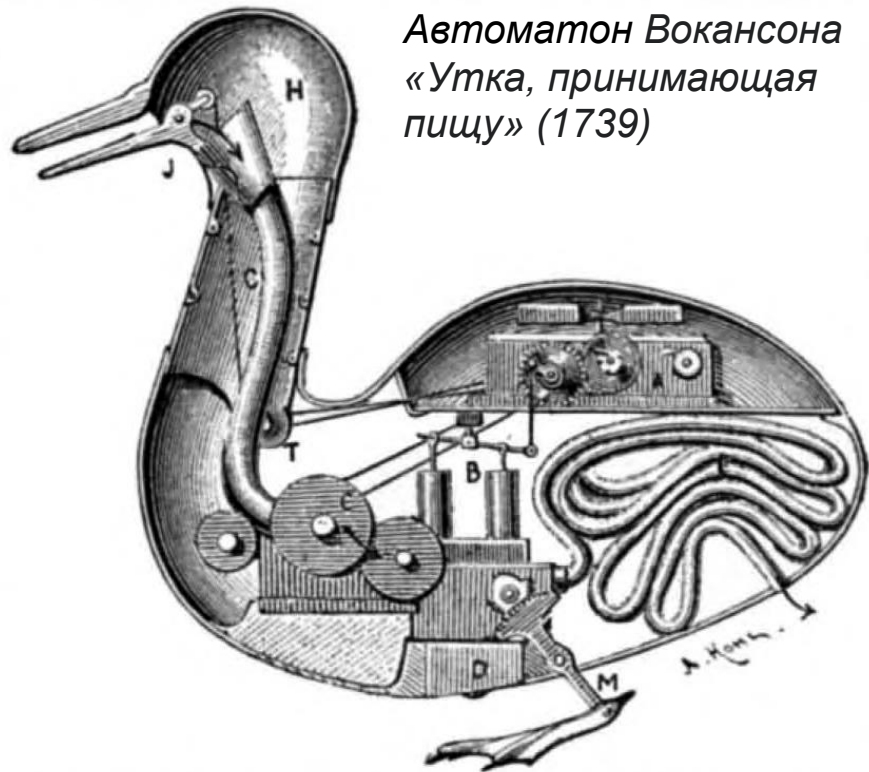
Prof. Dr. Walter Zieglgänsberger



Prof. Dr. med. Thomas R. Tölle

Редукционизм (от лат. *reductio* - возвращение, приведение обратно) - методологический принцип, согласно которому сложные явления могут быть полностью объяснены с помощью законов, свойственных явлениям более простым (например, социологические явления объясняются биологическими или экономическими законами).

Примеры редукции - планетарная модель атома, физиологические функции организма станут понятны только при детальном знании его отдельных клеток.



*Автоматон Вокансона
«Утка, принимающая
пищу» (1739)*

INTERIOR OF VAUCANSON'S AUTOMATIC DUCK.

*A, clockwork; B, pump; C, mill for grinding grain; F, intestinal tube;
J, bill; H, head; M, feet.*

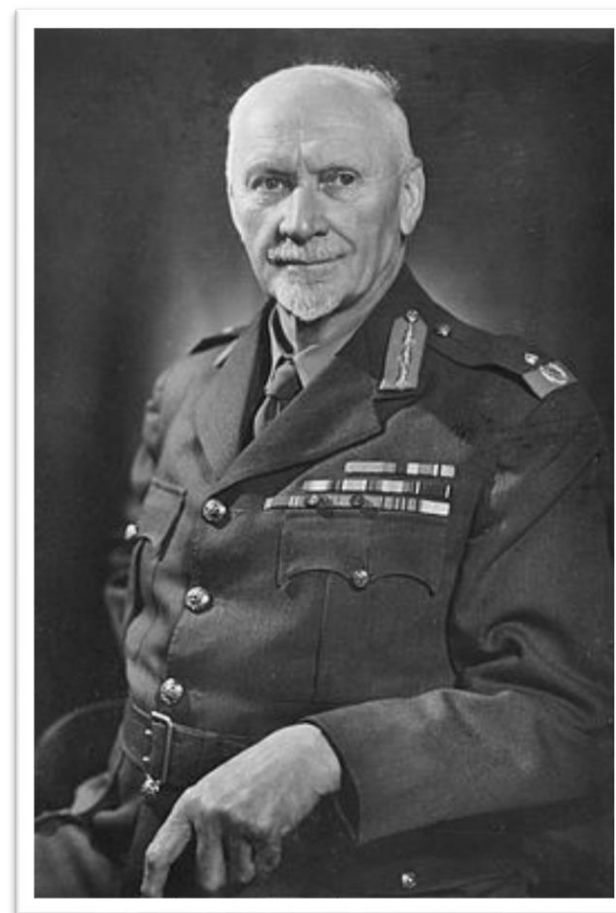
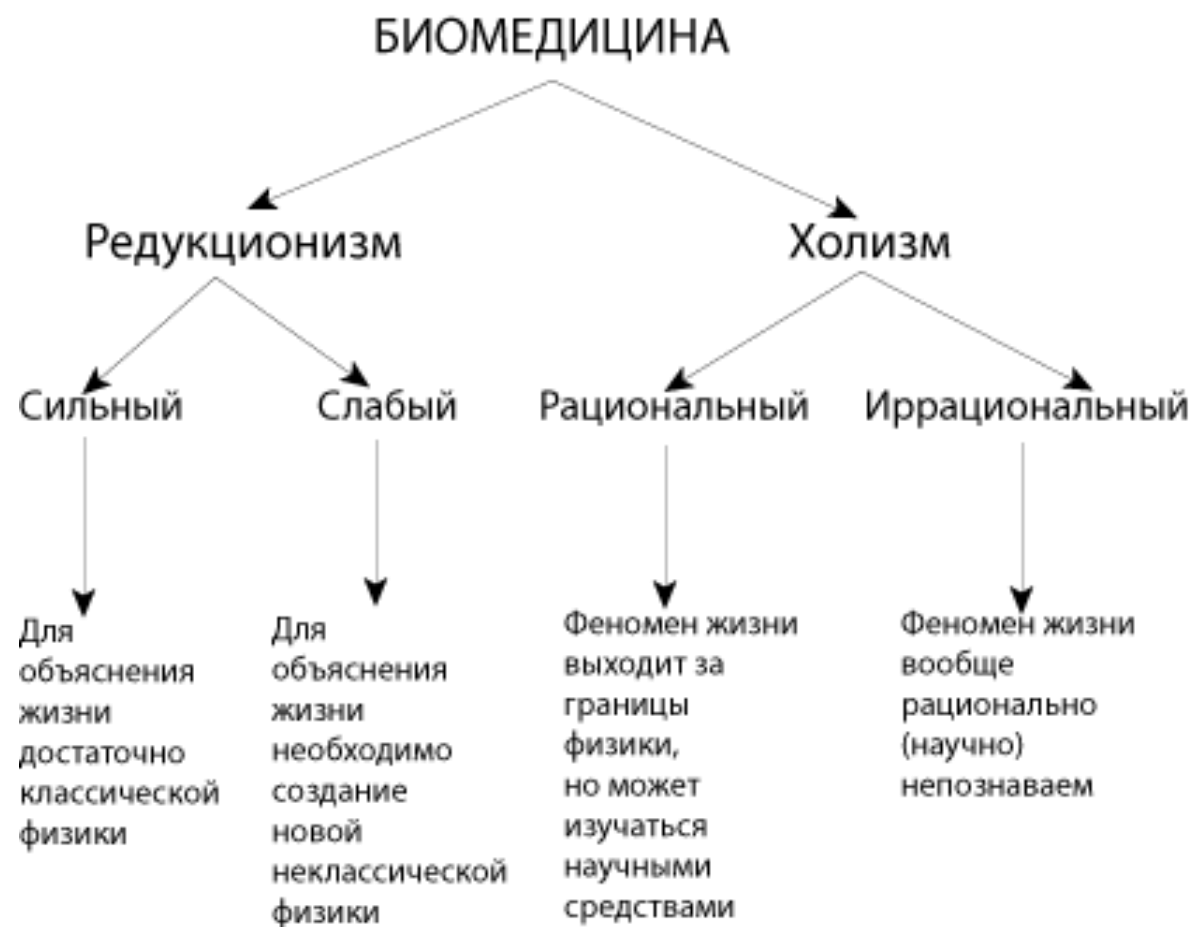


Рене Декарт (1596-1650)

Холизм (от др.-греч. ὅλος «целый, цельный») в **широком смысле** - позиция в философии и науке по проблеме соотношения части и целого, исходящая из качественного своеобразия и приоритета целого по отношению к его частям; холизм противостоит редукционизму, он не сводит сложное к простому, целое несводимо к своим частям.

В **узком смысле** под холизмом понимают «философию целостности», разработанную южноафриканским философом и политическим деятелем Я. Смэтсом, который ввёл в философскую речь термин «холизм» в 1926 году, опираясь на идею, которая восходит к «Метафизике» Аристотеля, что целое больше, чем сумма его частей.

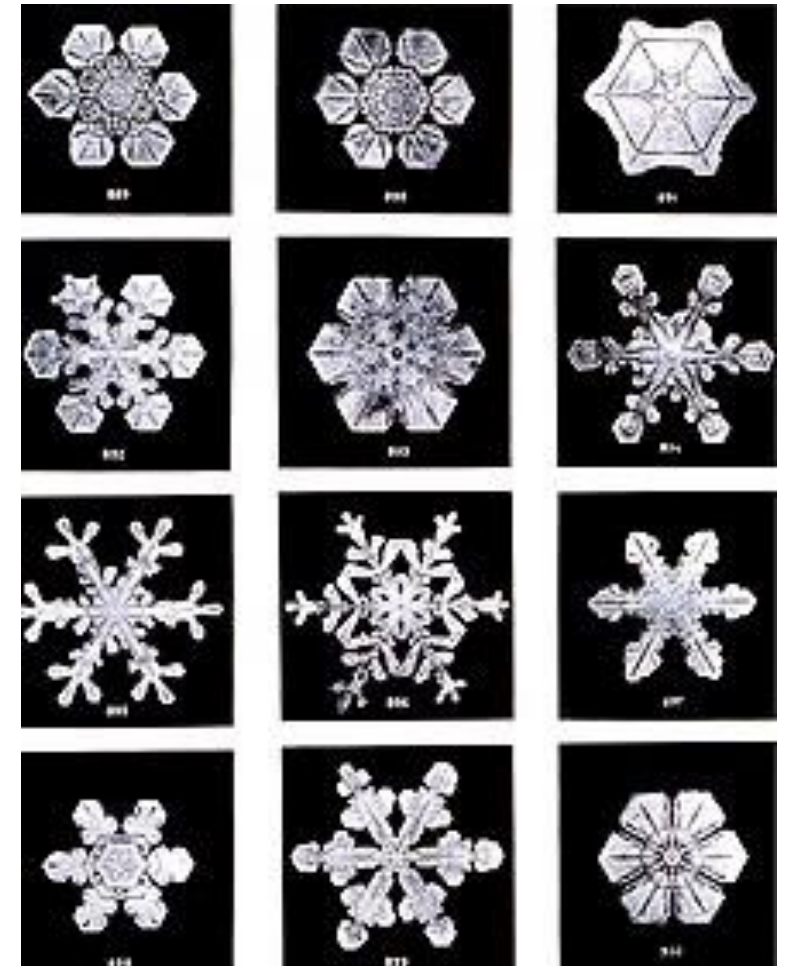
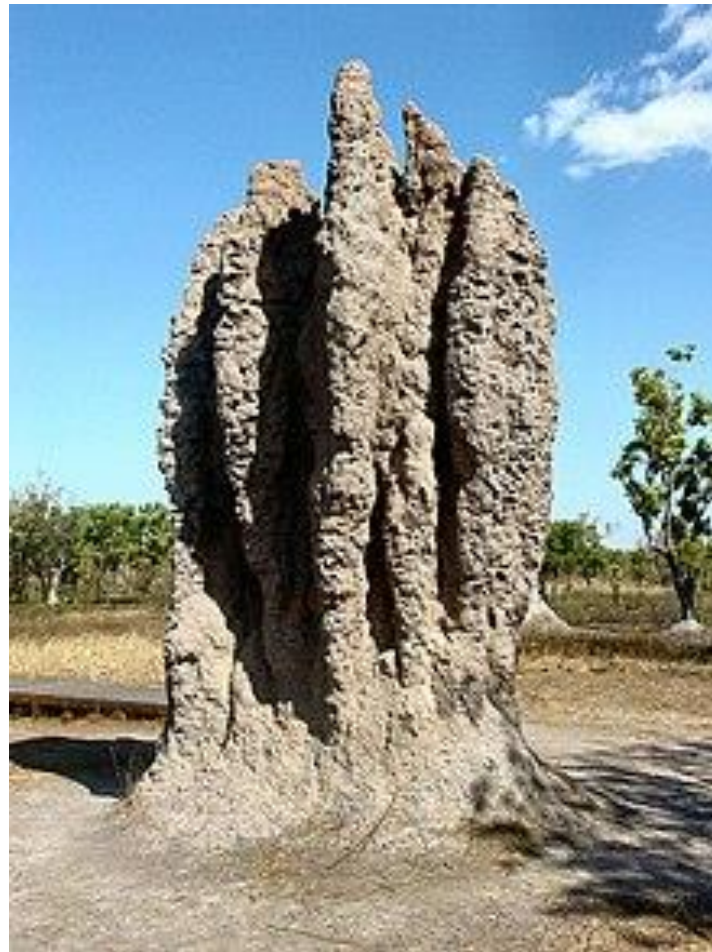
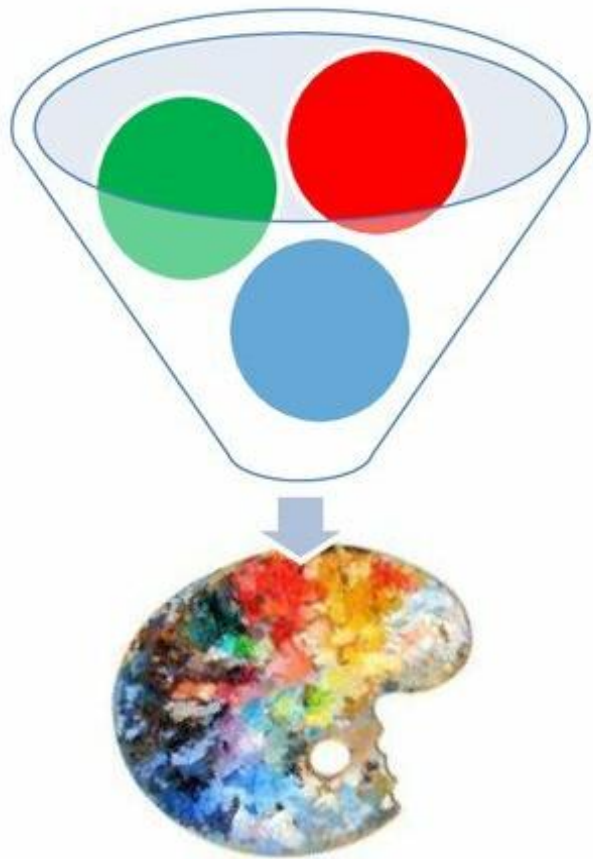
Например, физиологические функции организма «не обнаружимы» при рассмотрении его отдельных клеток



Ян Христиан Смэтс (1870-1950)

Эмерджентность (англ. *emergence* - возникновение, появление нового) - целостность, которая проявляется в определенной системе элементов в виде новых интегрированных качеств, не свойственных отдельным ее элементам.

- 1) в теории систем - наличие у какой-либо системы особых свойств, не присущих ее подсистемам и блокам, а также сумме элементов, не связанных особыми системообразующими связями;
- 2) в биологии и экологии понятие эмерджентности обычно выражают так: одно дерево - не лес, скопление отдельных клеток - не организм.



Системная биология

Основная *задача системной биологии*, которая не пересекается с биоинформатикой это – **моделирование** свойств динамических биосистем с **дискретным** (имеющим рамки) и **непрерывным временем** (большая часть биосистем).

В целом *биологические системы неравновесны* (открыты, они постоянно обмениваются со средой энергией и веществом) *и нелинейны* (изменения их состояния не полностью определяется предшествующим). Поэтому для них используются специальные методы анализа и описания (нелинейная динамика).

Анализ результатов полногеномных экспериментов

Используется для исследования взаимодействия компонент в биологических системах.

Например, интеграция данных о связывании транскрипционного фактора с ДНК с данными об экспрессии генов в мутанте по этому транскрипционному фактору позволяет получить более значимые данные о топологии исследуемой генной сети, нежели анализ каждого из экспериментов в отдельности. Такой подход позволяет определить структуру системы.

Применение принципов теории систем к моделированию динамики в биологической системе

Исследование функционирования системы в пространстве и времени позволяет более точно описать те или иные процессы.

Например, все чаще прибегают к математическому моделированию в биологии развития, в которой учет динамики наиболее значим.

Инженерный подход

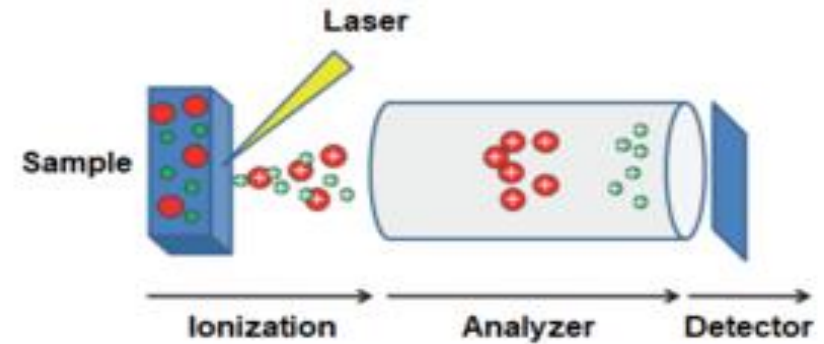
Большая заинтересованность в развитии более мощных вычислительных средств и инструментов для проектирования и управления биологическими системами. В будущем позволит применить на практике достижения системной биологии.

Например, при создании «биологических компьютеров», выращивании искусственных органов и тканей.

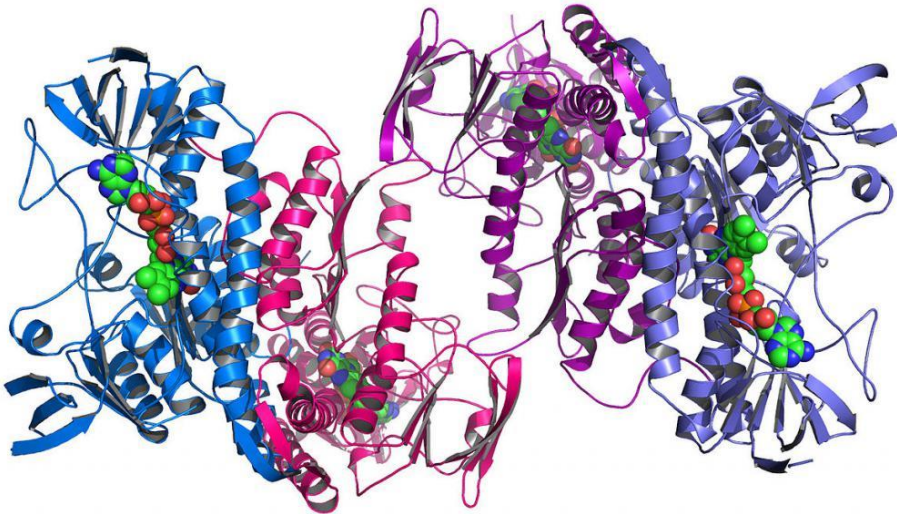
Системная биология

1) Область исследований

2) Научная парадигма



3) Набор исследовательских протоколов



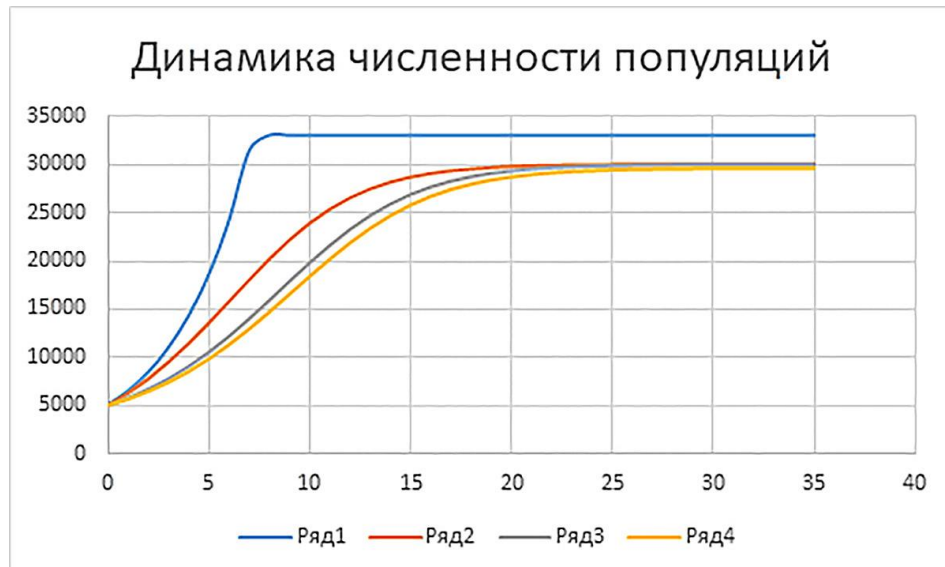
4) Применение теории динамических систем к биологическим процессам

5) Соционаучный феномен

2. История становления системной биологии

Предпосылки:

- количественное моделирование ферментативной кинетики – направление, сформировавшееся между 1900 и 1970 годами;
- математическое моделирование роста популяций;
- моделирование в нейрофизиологии;
- теория динамических систем и кибернетика;
- синергетика





**Александр Малиновский
(Богданов)**

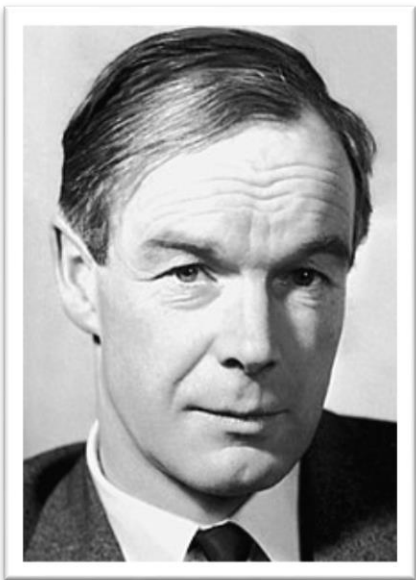


Выдающийся философ, написавший несколько больших трудов о Тектологии, введенной им науки, раскрывающий единый принцип устройства, организации и управления биологических и небιологических систем. Именно он ввел понятия открытости биологической системы, её саморегуляции, самоорганизации, «самоусложнения», возможности убывания энтропии, благодаря которым многие такие системы обладают холистическими свойствами. **А. Малиновский (Богданов)** - признанный создатель основ системной биологии, биоинформатики и кибернетики.

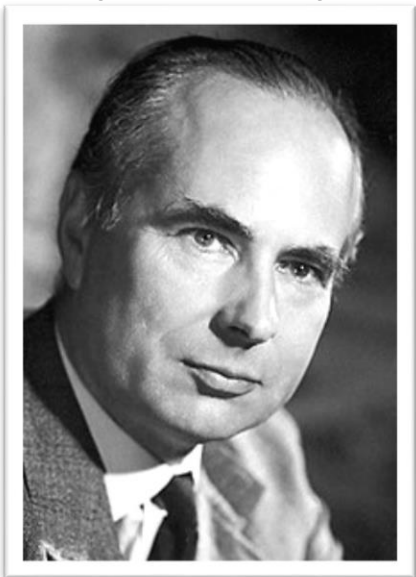
Создатель общей теории систем, автор книги «Общая теория систем в физике и биологии» (1950 г.) Теоретически обосновал, что классические термодинамические законы (сохранения энергии и массы и возрастания энтропии) «не работают» при рассмотрении биологических систем. Открытые системы (по Берталанфи) могут принимать больше энергии, чем отдавать. Они усовершенствуют себя сами, по заложенному в них принципу организации, саморегуляции и самоуправления. В случае биологии – на основе генетического кода и его реализации (фенома) в пределах, задаваемых данными условиями существования.



**Карл Людвиг
фон Берталанфи**



Алан Ллойд Ходжкин
(1914-1998)



Андрю Филдинг Хаксли
(1917-2012)

Британские нейрофизиологи и лауреаты нобелевской премии, авторы численной модели опубликованной ими в **1952 году**. Они создали математическую модель, объясняющую распространение потенциала действия вдоль аксона нейрона на примере аксона гигантского кальмара. Их модель описывала механизм распространения потенциала как взаимодействие между двумя различными молекулярными компонентами: каналами для калия и натрия, что можно расценить как начало вычислительной системной биологии.

HODGKIN AL, HUXLEY AF. A quantitative description of membrane current and its application to conduction and excitation in nerve // The Journal Of Physiology. — 1952. — August (vol. 117, no. 4). — P. 500—544.

500

J. Physiol. (1952) 117, 500-544

A QUANTITATIVE DESCRIPTION OF MEMBRANE CURRENT AND ITS APPLICATION TO CONDUCTION AND EXCITATION IN NERVE

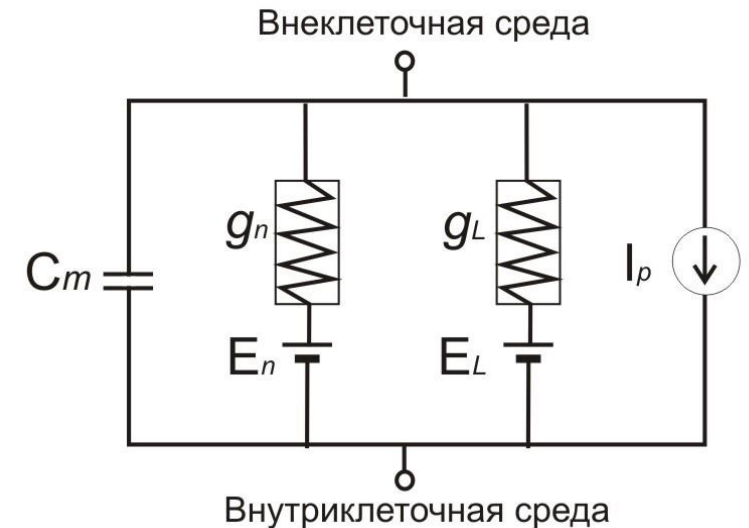
By A. L. HODGKIN AND A. F. HUXLEY

From the Physiological Laboratory, University of Cambridge

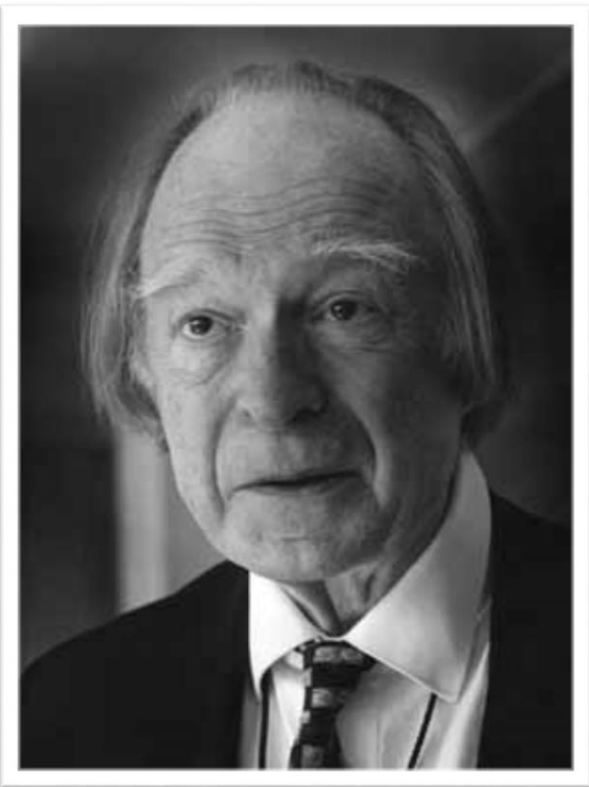
(Received 10 March 1952)

This article concludes a series of papers concerned with the flow of electric current through the surface membrane of a giant nerve fibre (Hodgkin, Huxley & Katz, 1952; Hodgkin & Huxley, 1952 a-c). Its general object is to discuss the results of the preceding papers (Part I), to put them into mathematical form (Part II) and to show that they will account for conduction and excitation in quantitative terms (Part III).

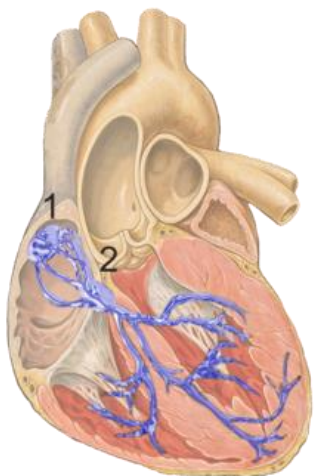
PART I DISCUSSION OF EXPERIMENTAL RESULTS



$$I_m = C_{\Sigma} \frac{\partial U}{\partial t} + I_{Na} + I_K + I_y,$$

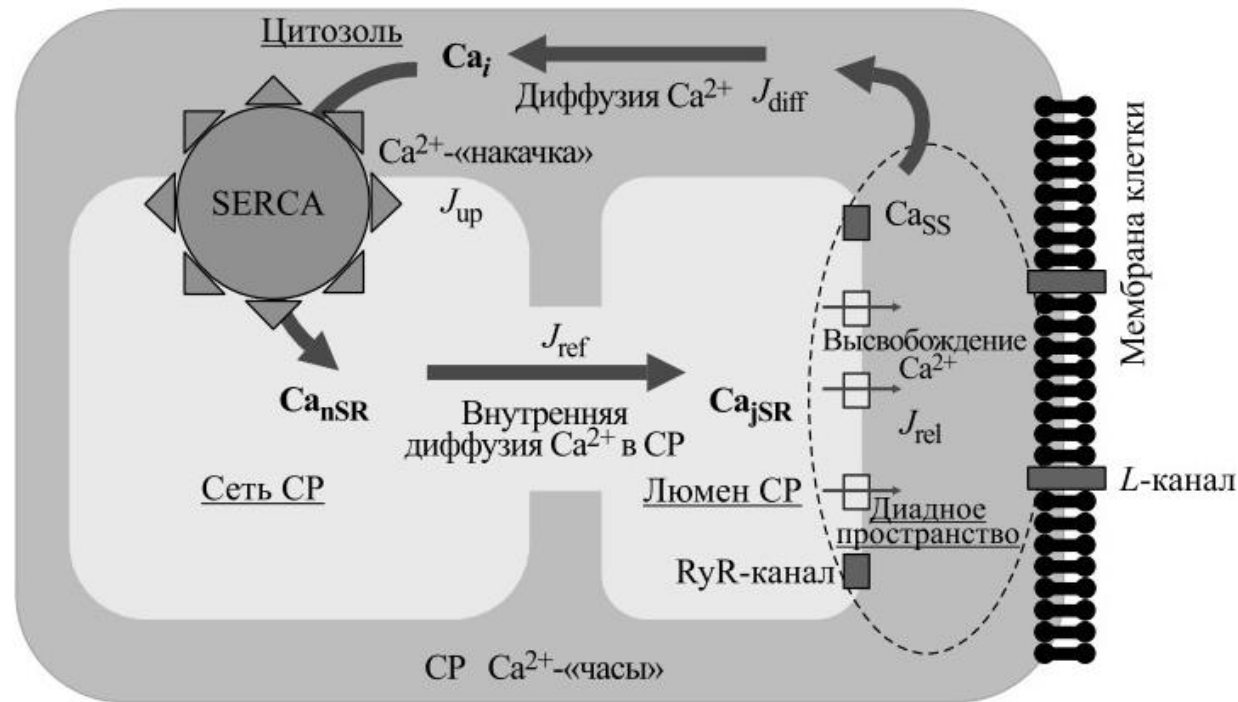


Денис Нобл (1936 г.)



Опираясь на модель Ходжкина и Хаксли в 1960 году Денис Нобл создал первую компьютерную модель клеток-пейсмейкеров в сердце – модель *сердечного водителя ритма*

МОДЕЛИРОВАНИЕ ВНУТРИКЛЕТОЧНОГО МЕХАНИЗМА



Схематическое изображение клетки водителя сердечного ритма кролика:

Ca_i - концентрация Ca^{2+} в цитозоле; Ca_{nSR} - концентрация Ca^{2+} в сети CP; Ca_{jSR} - концентрация Ca^{2+} в люмене P; J_{rel} - поток Ca^{2+} , высвобождающегося из CP; J_{dif} - поток диффузии кальция из диадного пространства в цитозоль; J_{up} - поток поглощения (закачки) кальция из цитозоля в сеть CP



Михайло Месарович (1928 г.)



Автор формально первой работы по системной биологии, как самостоятельной дисциплине, представленной в **1966 году** на международном симпозиуме в Институте технологии в Кливленде (США, штат Огайо) под названием «Системная теория и биология»

Systems Theory and Biology—View of a Theoretician

[Mihajlo D. Mesarović](#)

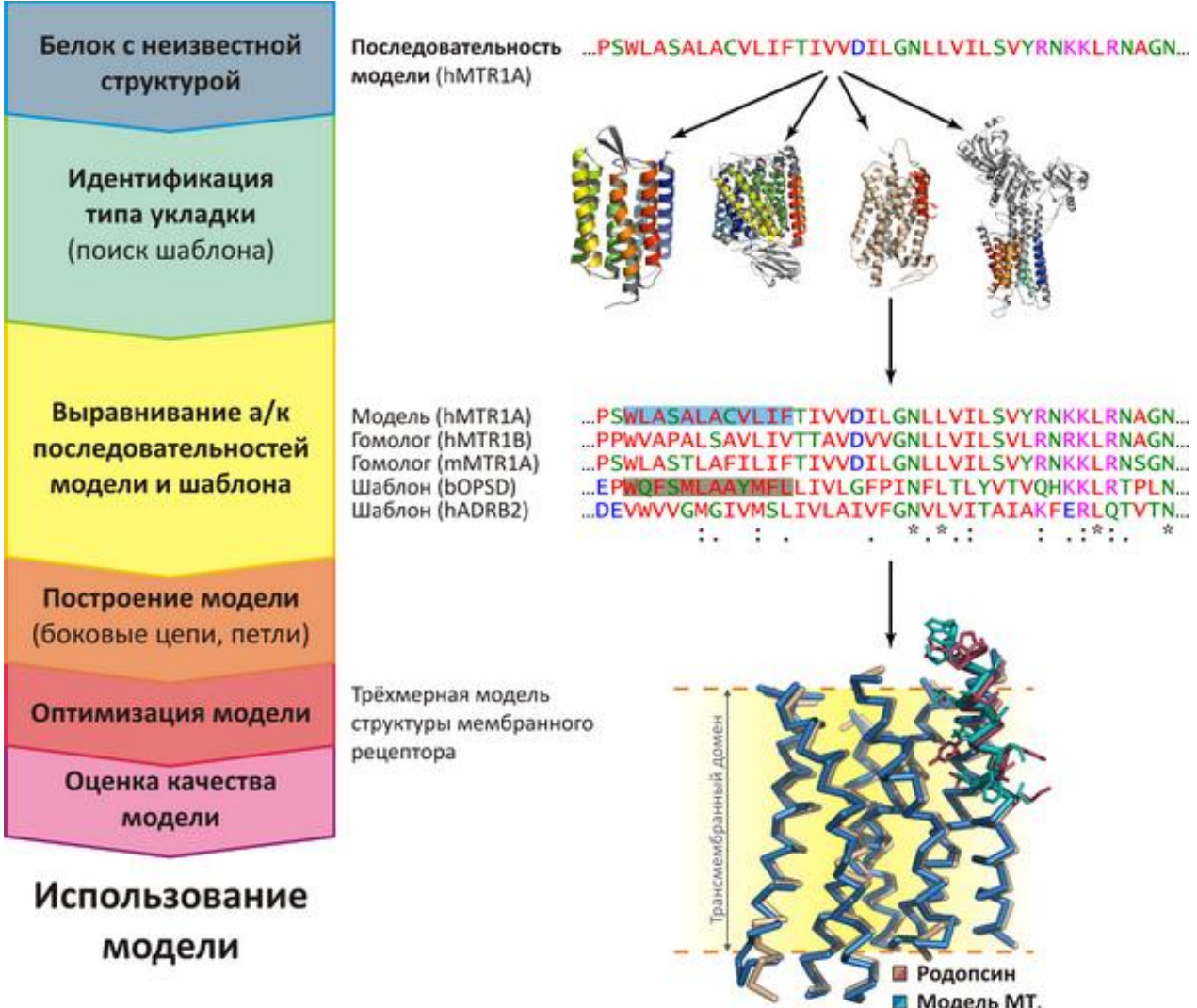
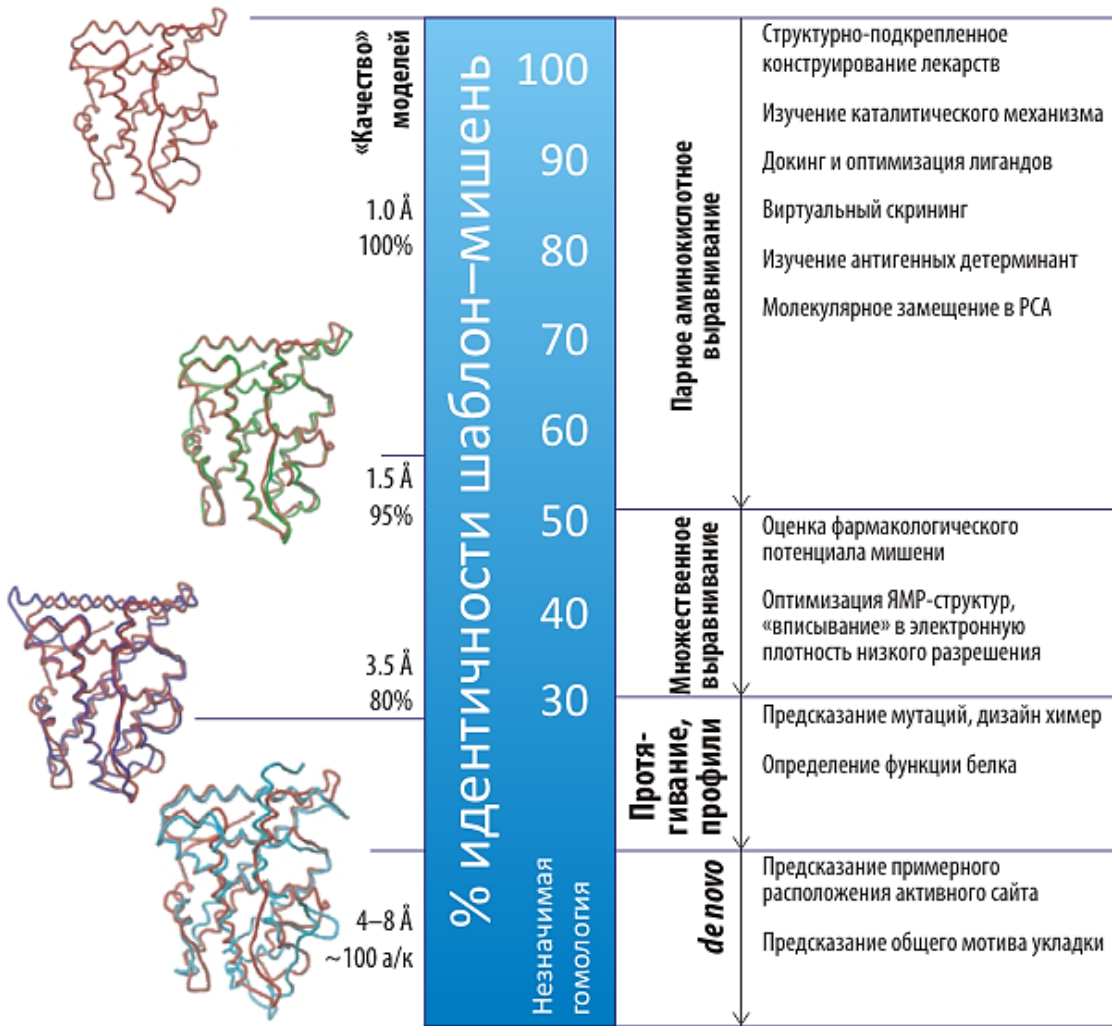
Conference paper

303 Accesses | **53** [Citations](#)

Abstract

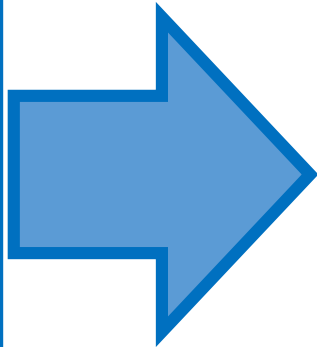
THERE exists a considerable diversity of opinion on what constitutes the systems approach to biology. On one side of the spectrum the systems approach is considered to be the application of techniques and instruments for measurements and signal analysis (so-called bio-instrumentation); further down the line is bio-engineering concerned with the application of the “engineering principles” in the study of the biological problems. On the other side of the spectrum, the systems approach is considered to be a search for some general biological laws which govern the behavior and evolution of living matter in a way analogous to the relation of the physical laws and non-living matter. (Often the latter viewpoint is presented as part of a scientific philosophy^{1,2}.)

В 60-х, 70-х годах двадцатого века был разработан ряд подходов для изучения сложных молекулярных систем, таких как *теория контроля метаболизма* и *теория биохимических систем*, появились первые доступные расчетные модели для структур белка.



Успехи молекулярной биологии в **80-х годах** при некотором спаде интереса к теоретической биологии вообще, которая обещала больше, чем смогла достичь, привели к падению интереса к моделированию биологических систем. Тем более, что у биологов развился скептицизм к всемогуществу математики и физики, а компьютеры были маломощные и не позволяли производить необходимые биологам расчеты.

Рождение *функциональной геномики* в **1990-х годах** привело к доступности большого количества данных высокого качества, что совместно с бумом в развитии вычислительной техники, позволило создавать более реалистичные модели



Функциональная геномика
область молекулярной биологии, которая использует огромное количество данных от геномных проектов для описания функционирования генов и белков, и их взаимодействий. Стартуя с аннотации генов, ФГ занимается исследованием и интеграцией генетической информации, активности генов и функции белков

В течение 1990-х годов Б. Зенг создал ряд концепций, моделей и терминов: системная медицина (**1992 г.**), системная биоинженерия (**1994 г.**) и системная генетика (**1994 г.**)

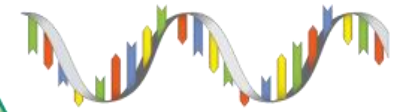
В **2000-х годах**, когда создавались институты системной биологии в Сиэтле и Токио, системная биология вступила в полные права, будучи вовлеченной в различные геномные проекты, обрабатывая и интерпретируя данные из «-омик» (протеомика, метаболомика), помогая в интерпретации прочих высокопроизводительных экспериментов, включая биоинформатику

Геномика и эпигеномика



Исследование последовательности ДНК и наследственных биохимических модификаций.

Транскриптомика

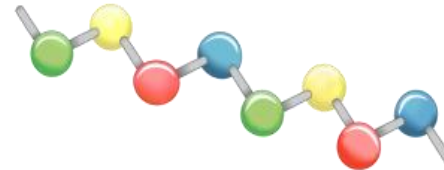


Исследование молекул РНК, присутствующих в образце

Фенотип

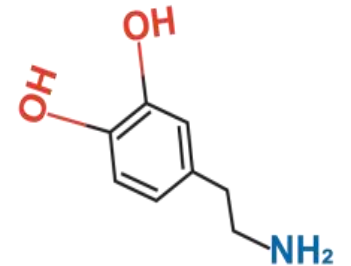


Протеомика



Исследование белков, присутствующих в образце

Метаболомика



Исследование метаболитов, присутствующих в образце

3. Методы системной биологии

Для верификации создаваемых моделей системная биология работает с самыми различными типами экспериментальных данных, описывающих как отдельные составляющие, так и систему в целом

Методы

Из других областей биологии

- *биохимия*
- *биофизика*
- *молекулярная биология*

Методы системной биологии

- *Геномика*
- *Эпигеномика/Эпигенетика*
- *Транскриптомика*
- *Интерферомика*
- *Протеомика/Транслатомика*
- *Метаболомика*

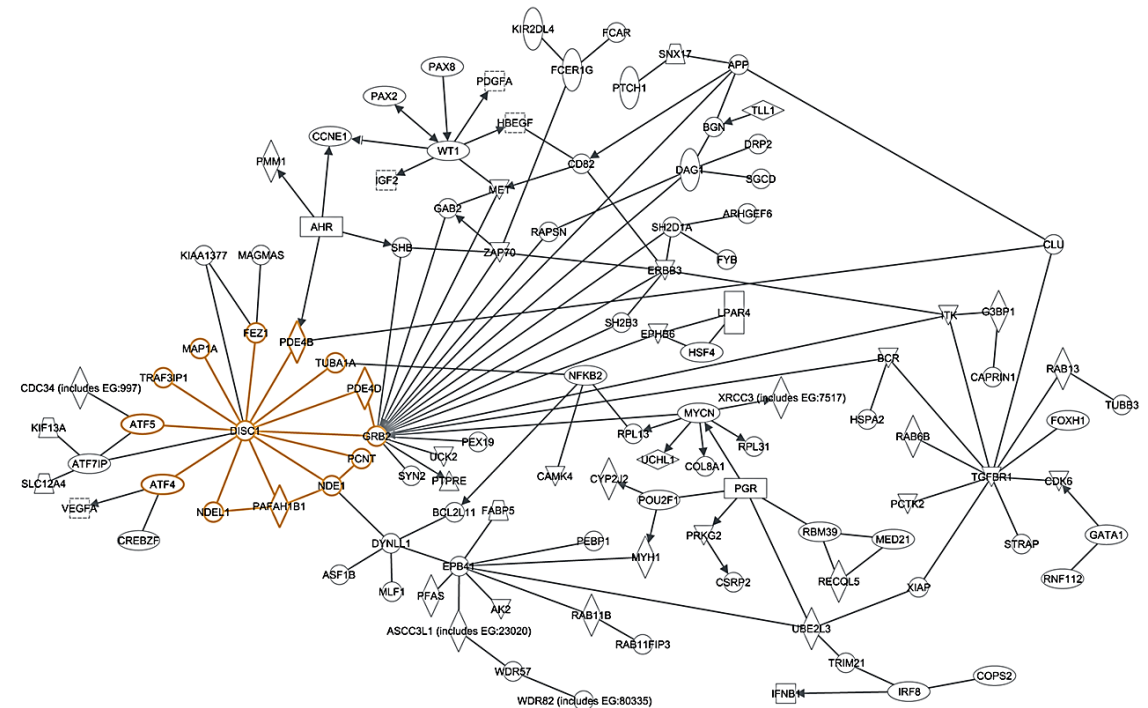
- *Гликомика*
- *Липидомика*
- *Интерактомика*
- *Флаксомика*
- *Биомика*

Методы измерения уровня молекул

- **Геномика:** высокопроизводительные методы секвенирования ДНК, включая изучение вариабельности в различных клетках одного организма.
- **Эпигеномика/Эпигенетика:** изучение факторов транскрипции, не кодируемых в ДНК (метилование ДНК, и т. д.).
- **Транскриптомика:** измерение экспрессии генов, используя ДНК-микрочипы и другие методы.
- **Интерферомика:** измерение взаимодействия транскрибируемых РНК.
- **Протеомика/Транслатомика:** измерение уровня белков или пептидов с использованием двумерного гель-электрофореза, масс-спектрометрии или многомерных методик измерения белков.
- **Метаболомика:** измерение концентраций так называемых малых молекул, метаболитов.
- **Гликомика:** измерение уровня углеводов.
- **Липидомика:** измерение уровня липидов.

Методы, измеряющие динамику характеристик во времени и взаимодействие между компонентами

- **Интерактомика:** измерение взаимодействий между молекулами (например, измерение белок-белковых взаимодействий: PPI).
- **Флаксомика:** измерение динамики потоков и концентраций во времени (как правило метаболитов).
- **Биомика:** системный анализ биома



Инструменты системной биологии

Исследования в области системной биологии чаще всего заключаются в разработке **модели сложной биологической системы** - модели, сконструированной на основе количественных данных об элементарных процессах, составляющих систему

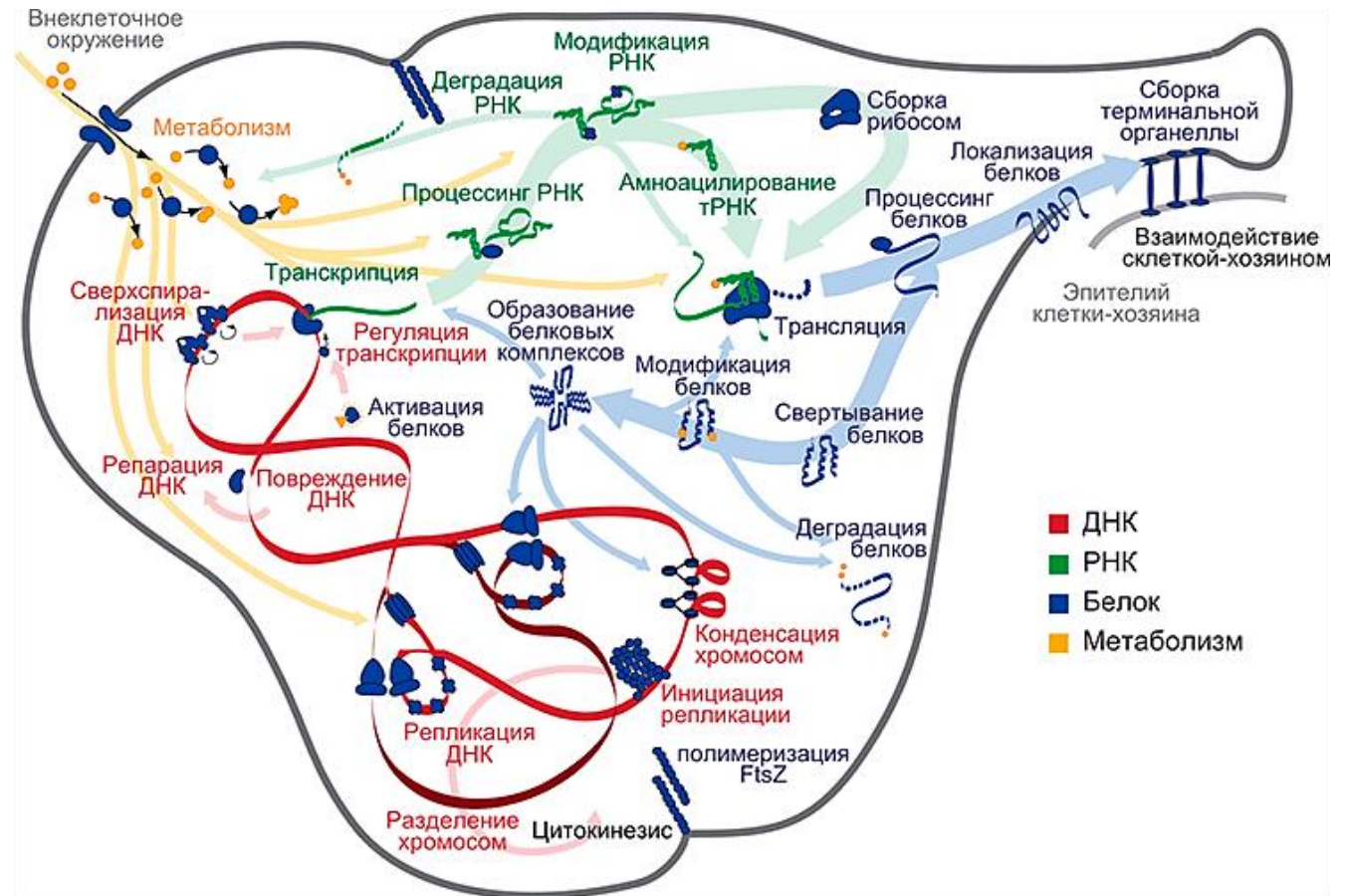
анализ полученных систем производится:

- математическими методами нелинейной динамики;
- методами теории случайных процессов;
- с использованием теории управления

Компьютерные технологии при моделировании, т.к.:

- сложность объекта изучения;
- большое количество параметров, переменных и уравнений, описывающих биологическую систему

Jonathan R. Karr, Jayodita C. Sanghvi, Derek N. Macklin, Miriam V. Gutschow, Jared M. Jacobs, et. al.. (2012). A Whole-Cell Computational Model Predicts Phenotype from Genotype. *Cell*. 150, 389-401



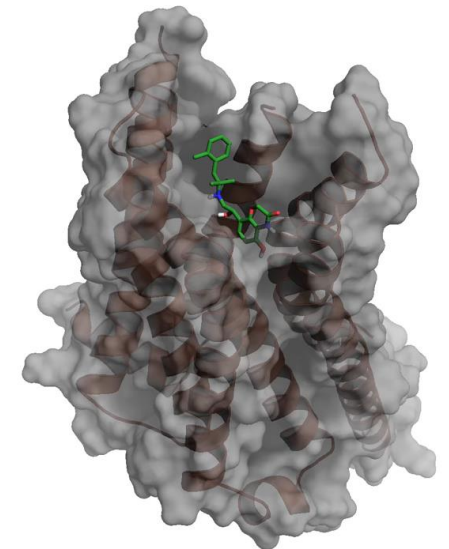
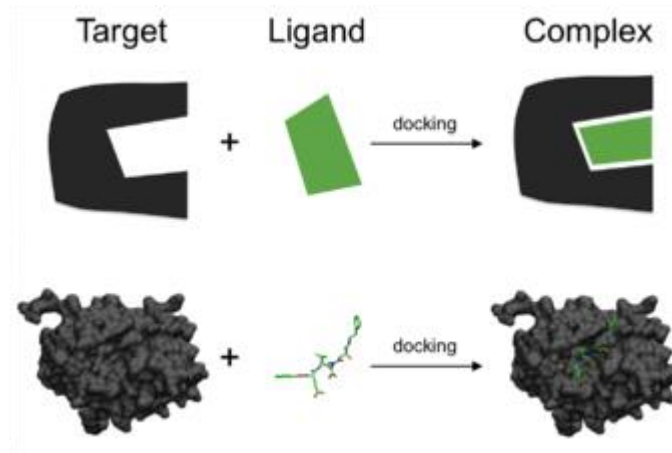
Модель клетки *Mycoplasma genitalium* как целого, которая состоит из 28 субмоделей различных клеточных процессов. Субмодели сгруппированы по категориям: **ДНК**, **РНК**, **белки** и **метаболизм**. Субмодели связаны друг с другом через общие метаболиты, РНК, белки и хромосомальную ДНК, что показано стрелками соответствующих цветов.

4. Связь системной биологии и математики

Биоинформатика, или **вычислительная молекулярная биология** (объединение биологии, математики и информатики для решения задач молекулярной биологии, биохимии, генетики, клеточной биологии, фармакологии, здравоохранения и т.д.):

- **биоинформатика последовательностей**. В базе данных EMBL (Европейской молекулярно-биологической лаборатории) хранится описание 767300000 последовательностей, содержащих 1 889 400 000 000 нуклеотидов (соответствует библиотеке в 10^5 толстых томов с убористым шрифтом). Из известных сегодня 5 миллионов белков 95% последовательностей – это такие гипотетические трансляты, и больше о них ничего не известно)

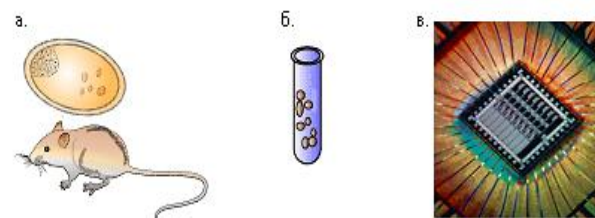
- **структурная биоинформатика**. Занимается анализом пространственных структур молекул. Известно всего около 100 000 структур из нескольких миллионов последовательностей. **Молекулярный докинг** (молекулярная стыковка) – метод моделирования, который позволяет предсказать наиболее выгодную для образования устойчивого комплекса ориентацию и положение одной молекулы по отношению к другой



- **компьютерная геномика.** Изучение геномов позволяет найти новые метаболические пути или ферменты, которые будут применены в биотехнологическом производстве (например, витаминов и других биологически активных веществ). Компьютерный анализ позволяет с известной степенью точности охарактеризовать несколько тысяч генов силами небольшой группы примерно за неделю, тогда как экспериментальное определение функции только одного гена требует интенсивной работы одной лаборатории как минимум в течение нескольких месяцев

- **применение известных методов анализа для получения новых биологических знаний.**

Существует множество методов и инструментов для компьютерного анализа биологических данных, представленных в виде программ в Интернете и имеющих удобный пользовательский интерфейс. Нужно учитывать границы применимости тех или иных методов. Следует иметь в виду компьютерный анализ биологических данных является экспериментом (только сделанным не в пробирке) и к нему предъявляются те же требования – четкость постановки, контроля. Это эксперимент *in silico*



in vivo - т.е. в живом объекте (а), *in vitro* - т.е. в искусственно смоделированной среде (б), *in silico* - т.е. в полностью смоделированной на компьютере биологической системе (в)

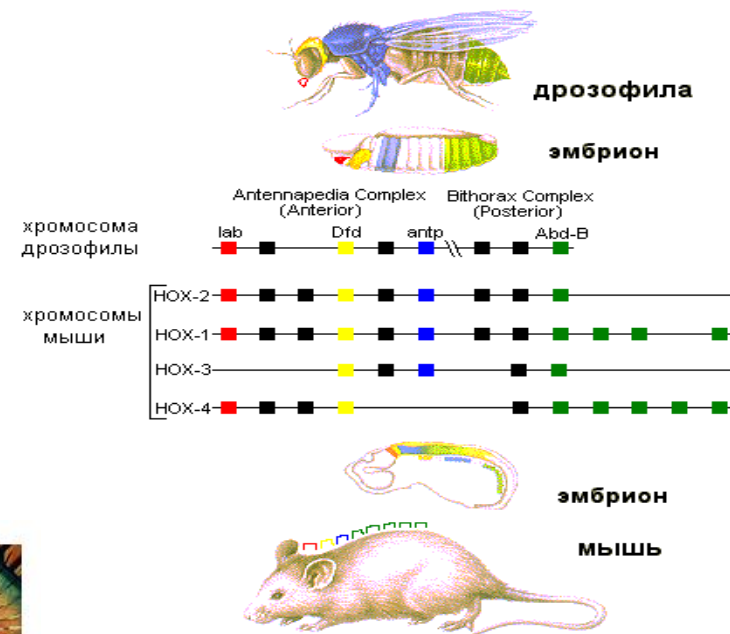
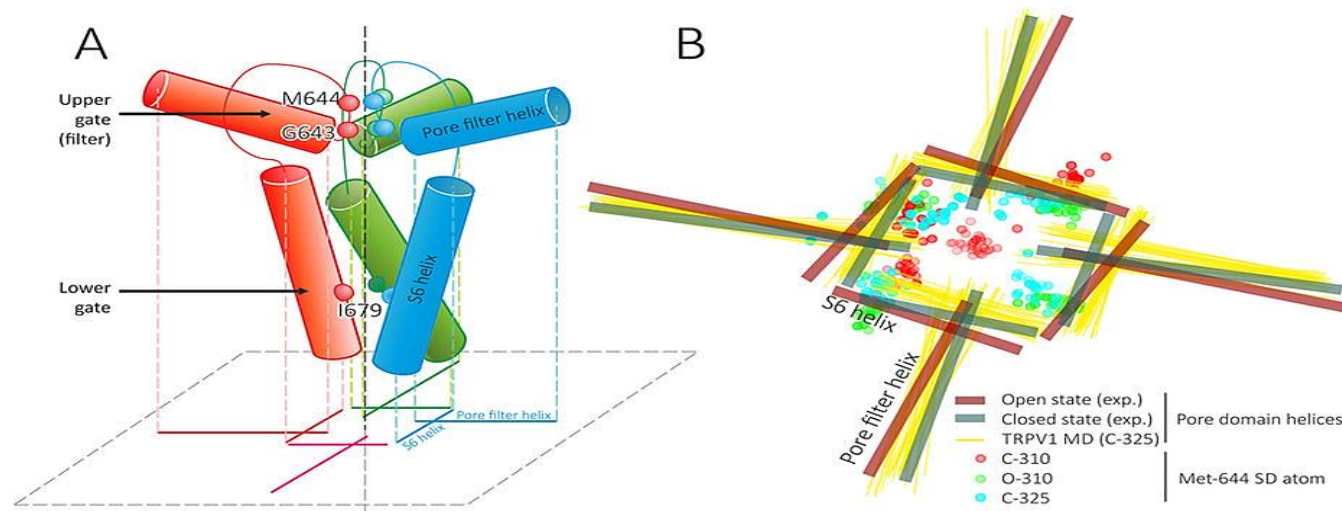


Рис. 1. Сходство генов, управляющих формированием оси тела у мух и мыши. Одинаковым цветом отмечены гены и части тела, которые они контролируют.



- **разработка новых методов анализа биологических данных**

- **разработка новых баз данных.** База данных – это представленная в объективной форме совокупность самостоятельных материалов, систематизированных таким образом, чтобы эти материалы могли быть найдены и обработаны с помощью электронной вычислительной машины (ЭВМ).

Открытые базы данных

1. Базы, содержащие первичные данные, полученные непосредственно в результате молекулярно-биологических экспериментов

К ним относят информационные ресурсы, представляющие данные о:

- последовательностях ДНК, РНК (**Genbank**, www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank)

- последовательностях белков (**UniProt**, www.uniprot.org)

- пространственных структурах генетических макромолекул (**PDB, Protein Data Bank**, www.pdb.org)

- результатах экспериментов по определению уровней экспрессии генов (**GEO, Gene Expression Omnibus**, www.ncbi.nlm.nih.gov/gds/)

GenBank Overview

What is GenBank?

GenBank® is the NIH genetic sequence database, an annotated collection of all publicly available DNA sequences (*Nucleic Acids Research*, 2013, Jan 41(D1):D36-42). GenBank is part of the *International Nucleotide Sequence Database Collaboration*, which comprises the DNA DataBank of Japan (DDBJ), the European Nucleotide Archive (ENA), and GenBank at NCBI. These three organizations exchange data on a daily basis.

A GenBank release occurs every two months and is available from the [ftp site](#). The [release notes](#) for the current version of GenBank provide detailed information about the release and notifications of upcoming changes to GenBank. Release notes for [previous GenBank releases](#) are also available. GenBank growth [statistics](#) for both the traditional GenBank divisions and the WGS division are available from each release.

An [annotated sample GenBank record](#) for a *Saccharomyces cerevisiae* gene demonstrates many of the features of the GenBank flat file format.

Access to GenBank

There are several ways to search and retrieve data from GenBank.

- Search GenBank for sequence identifiers and annotations with [Entrez Nucleotide](#)
- Search and align GenBank sequences to a query sequence using [BLAST](#) (Basic Local Alignment Search Tool). See [BLAST info](#) for more information about the numerous BLAST databases.
- Search, link, and download sequences programmatically using [NCBI eutilities](#).
- The ASN.1 and flatfile formats are available at NCBI's anonymous FTP server: <ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/ncbi-asn1> and <ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>.

GenBank Data Usage

The GenBank database is designed to provide and encourage access within the scientific community to the most up-to-date and

GenBank Resources

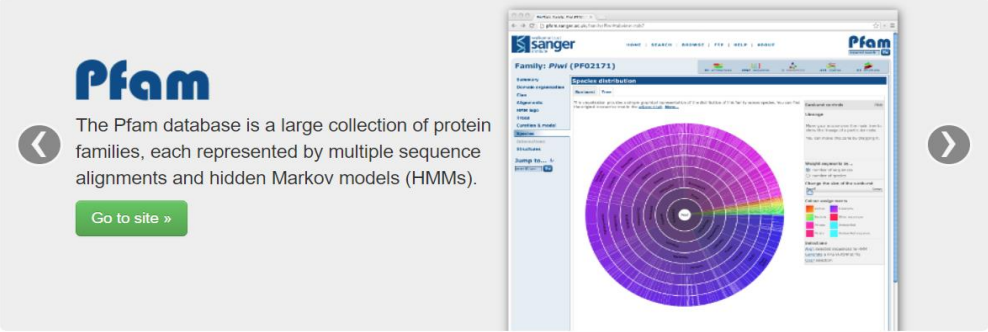
- [GenBank Home](#)
- [Submission Types](#)
- [Submission Tools](#)
- [Search GenBank](#)
- [Update GenBank Records](#)

Entry	Entry Name	Protein Names	Gene Names	Organism	Length
P06213	INSR_HUMAN	Insulin receptor[...]	INSR	Homo sapiens (Human)	1,382 AA
P14735	IDE_HUMAN	Insulin-degrading enzyme[...]	IDE	Homo sapiens (Human)	1,019 AA
P01308	INS_HUMAN	Insulin[...]	INS	Homo sapiens (Human)	110 AA
P01317	INS_BOVIN	Insulin[...]	INS	Bos taurus (Bovine)	105 AA
P67970	INS_CHICK	Insulin[...]	INS	Gallus gallus (Chicken)	107 AA
P01321	INS_CANLF	Insulin[...]	INS	Canis lupus familiaris (Dog) (Canis familiaris)	110 AA
P17715	INS_OCTDE	Insulin[...]	INS	Octodon degus (Degu) (Sciurus degus)	109 AA
P01329	INS_CAVPO	Insulin[...]	INS	Cavia porcellus (Guinea pig)	110 AA
P01322	INS1_RAT	Insulin-1[...]	Ins1, Ins-1	Rattus norvegicus (Rat)	110 AA
Q91X13	INS_ICTTR	Insulin[...]	INS	Ictidomys tridecemlineatus (Thirteen-lined ground	110 AA

2. Базы, основанные на компьютерной обработке первичных молекулярно-генетических данных:

- база данных о последовательностях белков, сгруппированных в функциональные семейства: их выравнивание и описание функций (**Pfam**, pfam.sanger.ac.uk)
- база данных о структурах активных центров белков, полученных путем извлечения этой информации из белковых структур, представленных в банке PDB (**PDBSite**, www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/pdbsite/)

3. Информационные ресурсы, содержащие интегрированную информацию о сложных биологических объектах (как первичные данные, так и компьютерную и экспертную аннотации). Например, **Ensembl** (www.ensembl.org) – информационный ресурс по компьютерной геномике человека и ряда модельных организмов, базы данных по геномным сетям Киотского университета KEGG (www.genome.jp/kegg)



Pfam

The Pfam database is a large collection of protein families, each represented by multiple sequence alignments and hidden Markov models (HMMs).

[Go to site »](#)

Rfam

The Rfam database is a collection of RNA families, each represented by multiple sequence alignments, consensus secondary structures and covariance models (CMs).

[Go to site »](#)

Dfam

The Dfam database is a collection of DNA transposable element families, each represented by multiple sequence alignments, consensus sequences, and hidden Markov models. The Dfam database is hosted by the Institute for Systems Biology, Seattle, US.

[Go to site »](#)

Treefam

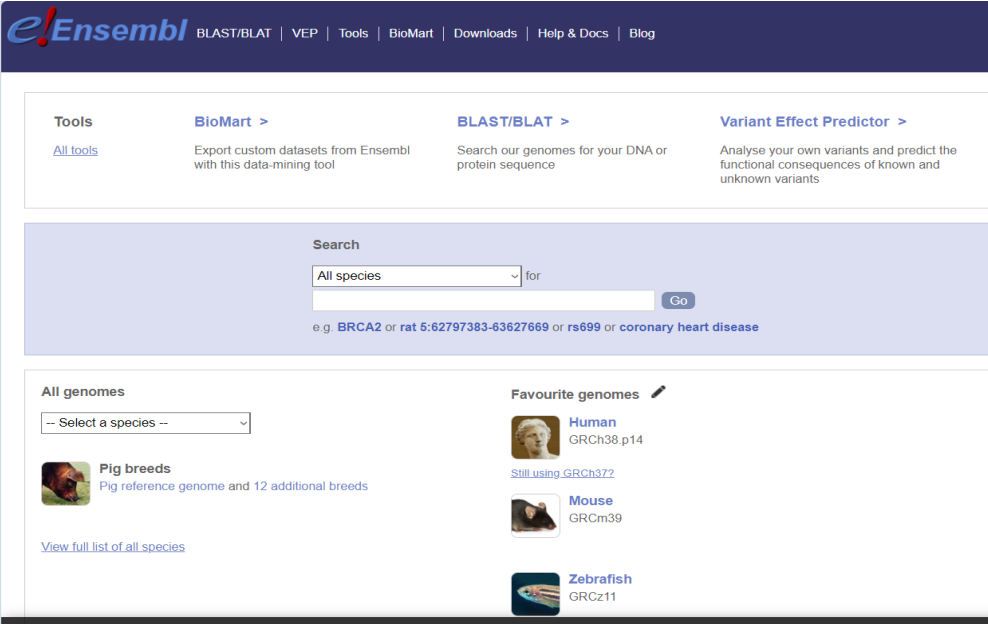
Treefam is a database composed of phylogenetic trees inferred from animal genomes. It provides orthology/paralogy predictions as well the

Antifam

AntiFam is a collection of hidden Markov models (HMMs) designed to identify spurious open reading frames (ORFs).

iPfam

The iPFam database is no longer available.



Ensembl | BLAST/BLAT | VEP | Tools | BioMart | Downloads | Help & Docs | Blog

Tools | **BioMart >** | **BLAST/BLAT >** | **Variant Effect Predictor >**

[All tools](#)

Export custom datasets from Ensembl with this data-mining tool

Search our genomes for your DNA or protein sequence

Analyse your own variants and predict the functional consequences of known and unknown variants

Search

All species for [Go](#)

e.g. BRCA2 or rat 6:52797383-63627669 or rs699 or coronary heart disease

All genomes

-- Select a species --

Pig breeds

Pig reference genome and 12 additional breeds

[View full list of all species](#)

Favourite genomes

Human

GRCh38.p14

[Still using GRCh37?](#)

Mouse

GRCh39

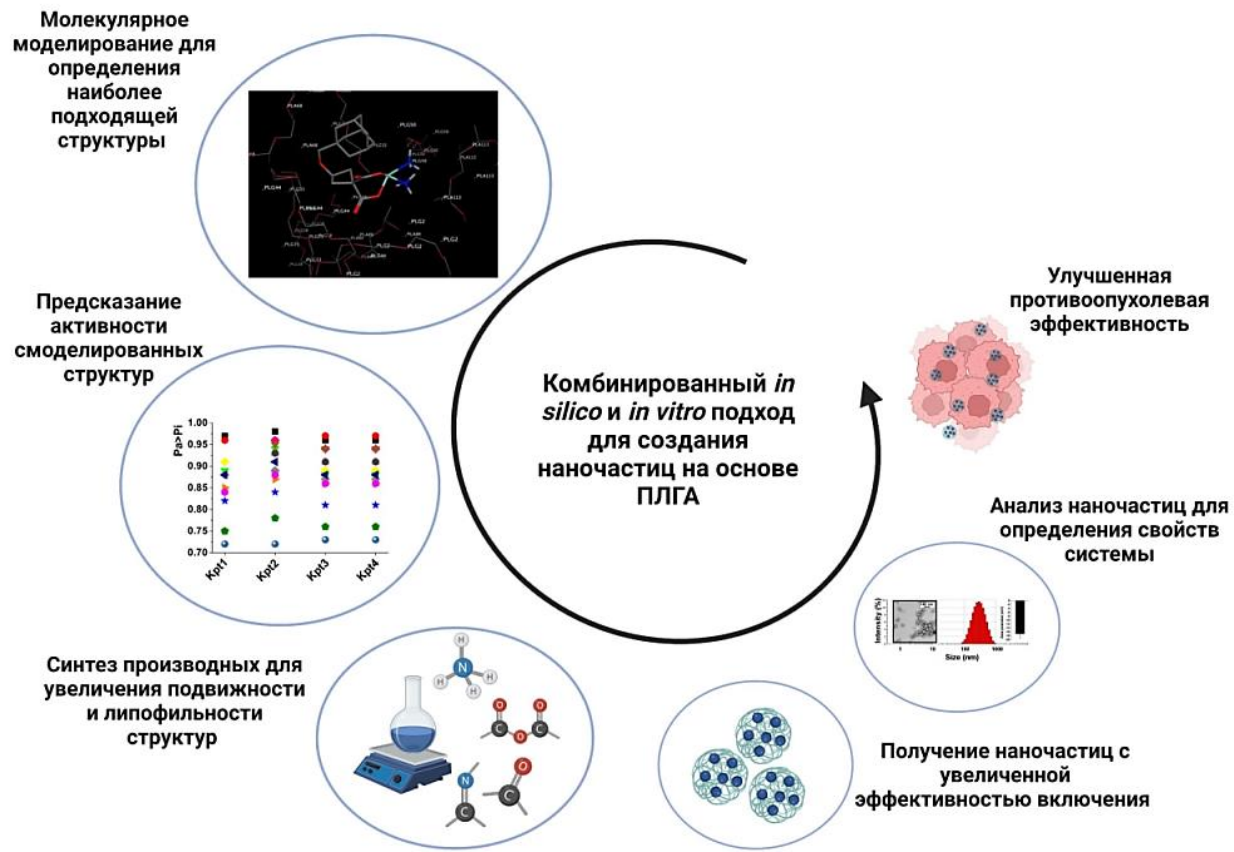
Zebrafish

GRCz11

This website requires cookies, and the limited processing of your personal data in order to function. By using the site you are agreeing to this as outlined in our

Математическая биология (относится к прикладной математике и использует её методы, например, математическая статистика). В математической биологии исследуются биологические задачи и проблемы методами современной математики, а результаты имеют биологическую интерпретацию

Компьютерная биология – это область науки о компьютерном анализе генетических текстов, аминокислотных последовательностей, пространственной структуры и динамики белков. Этот анализ лежит в основе определения макромолекул–мишеней, и поиска низкомолекулярных комплексов с целью создания новых лекарств. Компьютерная биология превратилась в быстроразвивающееся направление биомедицины и частично перекрывается с биоинформатикой



Цикл процесса разработки наночастиц для терапии онкологических заболеваний